

INSTITUTO DE PESQUISAS E ESTUDOS FLORESTAIS
ESALQ/USP
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS FLORESTAIS

SÉRIE TÉCNICA
ISSN – 0100-8137

PROGRAMA COOPERATIVO
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTES

MORI, E.S.
SANTOS, P.E.T. dos

IPEF Série Técnica é publicado trimestralmente pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais em convênio com a Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Ciências Florestais.

IPEF Série Técnica publica todas as contribuições originais que, analisadas pelo Conselho Editorial, se enquadram como *anais de encontros* ou *monografias*, com o objetivo de atualizar o conhecimento sobre temas florestais de grande interesse prático.

Comitê Editorial

Luiz E. G. Barrichelo
ESALQ, USP

Walter de Paula Lima
ESALQ, USP

Marialice M. Poggiani
IPEF

Admir Lopes Mora
IPEF

Endereço

IPEF – Biblioteca – ESALQ/USP
Caixa Postal 530
13400 – Piracicaba, SP – Brasil
TELEX 19 7881 IPEF BR

SUMÁRIO

1. HISTÓRICO

2. A INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES

3. PROCEDIMENTOS PARA DETERMINAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTES

3.1. POSIÇÃO NA CLASSIFICAÇÃO

3.2. ANÁLISE DE VARIÂNCIA

3.2.1. ESQUEMA DE ANÁLISE

3.2.2. PARÂMETROS GENÉTICOS

4. ESTABILIDADE FENOTÍPICA E ANÁLISE DE REGRESSÃO

4.1. MÉTODO DE YATES & COCHRAN (1938)

4.2. MÉTODO DE PLAISTED & PETERSON (1959)

4.3. MÉTODO DE WRICKE (1962)

4.4. MÉTODO DE FINLAY & WILKINSON (1963)

4.5. MÉTODO DE EBERHART & RUSSEL (1966)

4.6. MÉTODO DE VERMA, CHAHAL & MURTY (1978)

4.7. MÉTODO DE SILVA & BARRETO (1985)

5. ESTRATÉGIAS EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO FLORESTAL

6. CONCLUSÃO

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANEXOS

PROGRAMA COOPERATIVO INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

MORI, E.S.¹
SANTOS, P.E.T.¹

1. HISTÓRICO

Em 1985 o IPEF - Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, juntamente com o LCF - Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP organizaram a vinda do geneticista professor Gene Namkoong da Universidade da Carolina do Norte para uma série de palestras e visitas às Empresas Associadas, fato este que marcaria o princípio de mudanças na condução de programas de melhoramento florestal no País.

A filosofia de multipopulações, apregoada pelo cientista, aponta o fenômeno interação genótipos x ambientes como um dos principais causadores da falta de eficiência de programas de melhoramento florestal.

No período de 23 e 24/10/86, iniciou-se o Programa Cooperativo Interação Genótipos x Ambientes com a realização da Reunião Ampla sobre o tema "Interação do Genótipo com Clima e Solo", agrupando pesquisadores de renome na área. O evento contou com a presença de 71 participantes de diversas instituições. As técnicas tradicionalmente utilizadas no melhoramento florestal foram questionadas e sugestões de mudanças foram levantadas e debatidas.

Em 05/12/86 houve uma reunião entre os pesquisadores do LCF, IPEF e alunos de pós-graduação, definindo pontos e estratégias básicas para condução de linhas de pesquisas levantadas na Reunião Ampla, gerando subsídios para 3 outras reuniões com as Associadas. Uma das reuniões foi realizada em Telêmaco Borba - PR (KLABIN) em 11 e 12/12/86, reunindo a KLABIN, MOBASA, RIGESA, ESALQ e IPEF. A outra foi realizada em 09/01/87 em Belo Horizonte - MG (CIMETAL) contando com a presença das associadas ACESITA, CAFSB, CESP, CIMETAL e também a ESALQ e o IPEF. Em 16/02/87, em Piracicaba - SP (IPEF) reuniram-se a ARACRUZ, CESP, CENIBRA, CHAMPION, DURAFLORA, EUCATEX, FLORIN, RIOCELL, KLABIN, RIPASA, SUZANO, ESALQ e IPEF.

Destas reuniões foram gerados compromissos de pesquisa entre as associadas e o IPEF. Os resultados do *Eucalyptus saligna* foram apresentados na reunião de 10 e 11/05/88 em São Paulo e os do *Eucalyptus urophylla* foram mostrados na Reunião Regional em 07 e 08/06/88, em Vitória - ES e publicados na revista IPEF No. 39, de agosto de 1988.

2. A INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES

A interação genótipos x ambientes pode ser definida pela variação das respostas dos genótipos a diferentes ambientes. De acordo com QUIJADA (1980), ela pode ser definida como a falta de uniformidade na resposta de dois ou mais grupos de plantas cultivadas em dois ou mais ambientes; um grupo pode demonstrar o melhor crescimento em um ambiente, mas desenvolver-se mal em outro.

Na atividade florestal pode-se distinguir diferentes níveis de interação genótipos x ambientes, principalmente devida à constituição genotípica em questão. Tem-se a

¹ Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF – Caixa Postal 530 – 13400 – Piracicaba - SP

existência de efeitos espécies x ambientes, procedências x ambientes, progênies x ambientes e clones x ambientes. A nível de espécies, as diferenças quanto à adaptabilidade a ambientes são maiores, ou seja, há espécies que possuem amplo espectro de adaptação, de tal maneira que a sua detecção necessita de testes sobre condições mais amplas de ambientes. Com a redução do espectro genético, tais como a níveis de procedências, progênies e clones, os testes de interação devem ser mais sensíveis (QUIJADA, 1980).

Para EBERHART & RUSSELL (1966), as interações estão normalmente presentes para qualquer material genético com o qual o melhorista possa estar trabalhando, dificultando sensivelmente a demonstração de diferenças significativas entre genótipos, sugerindo que um programa de melhoramento poderia ser orientado para o desenvolvimento de genótipos particulares a ambientes específicos; o aspecto negativo, neste caso, seria o grande dispêndio de recursos humanos, financeiros e material genético que seriam demandados.

No Brasil, os efeitos da interação genótipos x ambientes, apesar de sua grande importância, pouco tem sido considerados em estratégias de melhoramento. Talvez, pela maioria dos programas florestais estarem em fases iniciais de domesticação, manuseando populações com muita variabilidade, as margens de ganhos tem sido razoáveis com metodologias de melhoramento simples.

À medida que os programas vem caminhando para gerações mais avançadas, os efeitos ficam mais acentuados. Inúmeros trabalhos de literatura e também em experimentação conduzida através do Programa Cooperativo Interação Genótipos x Ambientes do IPEF, têm demonstrado haver grandes prejuízos por estes efeitos e estratégias de melhoramento tem sido apresentadas.

3. PROCEDIMENTOS PARA DETERMINAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES

QUIJADA (1980) apresentou três procedimentos para determinação da interação genótipos x ambientes: posição na classificação, análise de variância e análise de regressão.

3.1. POSIÇÃO NA CLASSIFICAÇÃO

Uma primeira forma de avaliar a presença de interação genótipos x ambientes seria mediante o uso da posição na classificação de cada um dos vários genótipos em cada um dos sítios e ambientes. QUIJADA (1980) apresentou um exemplo didático muito elucidativo: segundo seu rendimento em cada sítio, são ordenados do melhor para o pior. Se existirem trocas notórias na posição dos genótipos de um sítio para outro, há indicação de interação.

Genótipos	Ambientes		
	X	Y	Z
A	1	3	3
B	5	1	2
C	4	2	5
D	3	4	4
E	2	5	1

Como desvantagem do método tem-se que o ordenamento hierárquico da somente uma idéia simplificada da magnitude das trocas de um ambiente para outro. Por outro lado, não se dispõe de um suporte estatístico da significância dessas trocas.

PATINO-VALERA (1986) estudando progênies de *Eucalyptus saligna* com aproximadamente 3 anos de idade cultivadas em dois espaçamentos (3,0 x 1,0 m e 3,0 x 2,0 m) apresentou os seguintes resultados para produção de volume de madeira (m³/árvore), que estão na Figura 01.

Quando observado o espaçamento 3,0 x 1,0m, percebe-se que o número de progênies que sobressaíram é menor do que no 3,0 x 2,0 m e que muitas das progênies que apresentaram boa produtividade no espaçamento apertado corresponderam àquelas progênies que apresentaram um bom desenvolvimento em ambos os espaçamentos e que geralmente também ocuparam uma posição semelhante no espaçamento mais amplo. Esse fato confirmou o salientado por KAGEYAMA (1986) sobre a resposta heterogênea face ao espaçamento.

Esse comportamento diferencial das progênies face ao espaçamento poderia ser aproveitado para a obtenção de progênies que possam ser utilizadas para fins diferentes. Assim, aquelas que apresentaram o melhor comportamento em espaçamentos apertados seriam utilizadas em programas visando a produção de lenha para energia ou materiais finos para outros usos, enquanto que as melhores progênies no espaçamento mais amplo poderiam ser utilizadas em programas visando a obtenção de celulose, chapas de fibra, etc. Os exemplos de interações complexas são numerosos entre as 169 progênies, em todas as posições considerando a produção volumétrica. Ainda que a maior parte das progênies de *Eucalyptus saligna* estudadas não tenham mostrado interações e que as diferenças entre elas não se apresentaram significativas, as poucas progênies que apresentaram interações e boa produção volumétrica em qualquer dos espaçamentos devem ser aproveitadas na seleção dentro de um programa de melhoramento (PATIÑO-VALERA, 1986).

Com o objetivo de avaliar a interação de espécies e progênies dentro de espécies de *Eucalyptus* com níveis de tecnologia silvicultural, BILA (1988) estudou três ensaios com níveis crescentes de tecnologia de implantação florestal em São Simão - SP. Os níveis de tecnologia foram: NTI - sem preparo de solo e sem adubação mineral; NTII - preparo de solo sem adubação mineral; NTIII - preparo de solo e adubação mineral. As espécies utilizadas foram: *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus camaldulensis* e *Eucalyptus citriodora*. A nível de espécies observou-se, no caráter volume de madeira, uma pequena interação simples entre os níveis de tecnologia NTII e NTIII e praticamente não houve interação entre as espécies nos níveis de tecnologia NTII e NTIII. A Figura 02 apresenta os resultados obtidos.

O autor conclui que o *Eucalyptus grandis* apresentou alta potencialidade para sua utilização em condições de alta tecnologia silvicultural, como é o caso do reflorestamento industrial. Entretanto, no nível de tecnologia NTI foi à espécie mais sensível, apresentando menores sobrevivência e produção de madeira. Dessa forma, o *Eucalyptus camaldulensis* e o *Eucalyptus citriodora* são mais adequados para condições de baixa tecnologia do que o *Eucalyptus grandis*, principalmente quando se pretende produzir madeira de alta densidade, como é o caso de madeira para fins energéticos ou para serraria. O autor, estudando progênies de *Eucalyptus grandis*, observou as interações progênies x níveis de tecnologia. A Figura 03 apresenta essas interações. As mesmas tendências foram verificadas entre as progênies de *Eucalyptus citriodora* e *Eucalyptus camaldulensis*.

Visando avaliar o comportamento de clones de *Eucalyptus* e sua interação com espaçamentos e locais, MORA (1986) avaliou 17 clones selecionados em Aracruz - ES e instalados em duas localidades da Bahia (Inhambupe e Entre Rios). A Figura 04 apresenta

as posições na classificação de alguns clones entre as duas localidades para índice de volume de madeira.

O autor salienta que, embora visualmente possa ser notada a interação entre os clones, não houveram diferenças estatísticas entre eles. Estatisticamente não houve interação entre os clones considerados.

KIKUTI (1988) estudando a espécie *Eucalyptus grandis* na região de Telêmaco Borba - PR, instalou testes de progênies de meios irmãos e clonais de árvores selecionadas e de árvores tomadas ao acaso de uma população. Ao analisar o modo de propagação das árvores constatou-se que algumas mudaram de posição no "ranking" quando propagadas por sementes ou por estacas e outras permaneceram na mesma posição. Essas tendências podem ser visualizadas na Figura 05, onde os volumes cilíndricos individuais de algumas progênies foram comparados nos dois métodos de propagação.

3.2. ANÁLISE DE VARIÂNCIA

3.2.1. ESQUEMA DE ANÁLISE

Para se avaliar a importância e a magnitude das interações são utilizados métodos de análise de variância. Uma das formas seria a análise de variância conjunta em blocos casualizados, látice, etc. Uma análise conjunta em látice seria:

FV	GL	QM	E (QM)	F
Blocos/Locais	$l(r-1)$	Q1	$(1/\bar{n}) \hat{\sigma}^2 d + \hat{\sigma}^2 e + p \hat{\sigma}^2 R/L$	$Q1/Q5$
Locais (L)	$l-1$	Q2	$(1/\bar{n}) \hat{\sigma}^2 d + \hat{\sigma}^2 e + r \hat{\sigma}^2 P/L + p \hat{\sigma}^2 R/L + p \hat{\sigma}^2 L$	$\frac{Q2 + Q5}{Q1 + Q4}$
Progênies (P)	$p-1$	Q3	$(1/\bar{n}) \hat{\sigma}^2 d + \hat{\sigma}^2 e + r \hat{\sigma}^2 PL + rl \hat{\sigma}_p^2$	$Q3/Q4$
(P) X (L)	$(p-1)(l-1)$	Q4	$(1/\bar{n}) \hat{\sigma}^2 d + \hat{\sigma}^2 e + r \hat{\sigma}^2 PL$	$Q4/Q5$
Erro Efetivo Médio	$l(r-1)(p-1)$	Q5	$(1/\bar{n}) \hat{\sigma}^2 d + \hat{\sigma}^2 e$	-
Variância dentro	$\sum(n-1)$	Q6	$\hat{\sigma}^2 d$	-
Progênies	prl			

Onde:

$\hat{\sigma}^2 PL$: é a variância da interação progênie por locais;

$\hat{\sigma}^2 p$: é a variância entre progênies

$\hat{\sigma}^2 e$: é a variância devida ao erro entre parcelas;

$\hat{\sigma}^2 d$: é a variância dentro das parcelas para "p" progênies;

n: número de plantas dentro de cada parcela;

p: número de progênies comuns aos três locais;

l: número de locais;

r: número de repetições dentro de cada local.

Adaptado de MORAES (1987)

FONSECA (1979) apresentou, de modo esquemático, as possíveis situações de interação genótipos x ambientes:

Fonte de Variação	SITUAÇÕES			
	1	2	3	4
Genótipo (G)	**	ns	**	**
Ambiente (A)	ns	**	**	ns
Interação GxA	ns	ns	**	**

Nas situações 1 e 2 somente ocorrem diferenças entre genótipos e ambientes, respectivamente. Em ambas as situações não se detectou interação. No caso 3, os genótipos reagem diferentemente ao ambiente, sendo que um genótipo é superior ao outro em um determinado local. Esta situação é denominada de interação simples. Na situação 4, os genótipos trocam de posição apesar de não haverem diferenças entre ambientes; tem-se neste caso a interação complexa.

3.2.2. PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos estimados a partir da análise conjunta, sendo VENCOSKY (1978), são:

a) Variância fenotípica, ao nível de plantas individuais:

$$\hat{\sigma}^2 F^1 = \hat{\sigma}^2 d + \hat{\sigma}^2 e + \hat{\sigma}^2 PL + \hat{\sigma}^2 P$$

b) Variância fenotípica, ao nível de médias de progênies:

$$\hat{\sigma}^2 \bar{F}^1 = \frac{\hat{\sigma}^2 d}{lr\bar{n}} + \frac{\hat{\sigma}^2 e}{lr} + \frac{\sigma^2 PL}{1} + \hat{\sigma}^2 P$$

c) Coeficiente de herdabilidade, ao nível de plantas individuais, para seleção entre plantas nos locais em conjunto:

$$h_2^2 = \frac{4\hat{\sigma}^2 p}{\sigma^2 F1}$$

d) Coeficiente de herdabilidade para seleção entre médias de famílias, para locais em conjunto:

$$h_{m2}^2 = \frac{\hat{\sigma}^2 p}{\sigma^2 \bar{F}1}$$

e) Coeficiente de herdabilidade para seleção dentro de famílias, para locais em conjunto:

$$h_{d2}^2 = \frac{3\hat{\sigma}^2 p}{\sigma^2 d}$$

f) Coeficiente de variação da interação p x l:

$$CV_pL(\%) = \frac{\sigma^2 PL}{\bar{X}} \cdot 100$$

A partir do momento que se torna conhecimento da existência do efeito de interação, seria desejável saber qual o principal contribuidor do mesmo. Os testes de progênies tem sido instalados para avaliar as contribuições genéticas e ambientais (BURLEY & KEMP, 1972).

BARNES, GIBSON & BARDEY (s.d.) avaliando um teste internacional de procedências de *Pinus caribaea* estudaram caracteres qualitativos e quantitativos, chegando a conclusão que os caracteres menos quantitativos, como é o caso da densidade básica da madeira, apresentaram maior controle genético e menor interação com o ambiente que os caracteres mais quantitativos.

JONES & MATHER (1958) expuseram como as interações genótipos x ambientes influenciam variâncias e covariâncias usadas para medir variações em modelos genéticos biométricos, citando que, quando existem interações, as medidas de efeitos genéticos aplicam-se somente à variação dos ambientes em estudo; concluíram que os melhoristas desejam simplesmente minimizar os efeitos de interações genótipos x ambientes em experimentos de campo, enquanto os geneticistas pretendem compreender as causas das interações em termos de parâmetros genéticos aplicados à biometria.

Os coeficientes de herdabilidade médios para *Eucalyptus saligna* para três locais estudados apresentaram valores superiores ao em conjunto. Este fato pode ser responsabilizado aos efeitos da interação genótipo x locais que está presente nas estimativas de herdabilidades conjuntas (MORI et alii, 1986).

Observando-se a Tabela 01 as diferenças referentes as herdabilidades obtidas na média dos locais e as conjuntas são inerentes à variância da interação genótipos x ambientes.

Os efeitos da interação genótipos x ambientes podem ser visualizados nas Tabelas 02 e 03 que apresentam os processos genéticos médios e conjuntos para o *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus grandis*, respectivamente.

Se fossem agrupados os melhores indivíduos das quatro localidades num único pomar e a partir dele colhidas sementes e plantadas novamente nos mesmos locais, os progressos genéticos esperados conjuntos para volume cilíndrico seriam de 13,41%. Por outro lado, se fossem instalados quatro pomares, cada qual com os melhores indivíduos de cada localidade e as sementes colhidas em cada pomar utilizadas na própria localidade onde se procedeu a seleção, os ganhos esperados para volume cilíndrico, seriam em média de 40,14%. Isto significa que, se for utilizado o primeiro procedimento, deixar-se-ia de ganhar em volume cilíndrico 26,73% dos ganhos por não se considerar os efeitos da interação progênies x locais. (MORI et alii, 1988).

O caráter que sofreu menor perda foi a densidade básica, de maior coeficiente de herdabilidade. O que mais perdeu foi o volume cilíndrico (menor herdabilidade).

MORI et alii (1986) estudando *Eucalyptus saligna* em três localidades ecologicamente distintas e considerando uma seleção entre progênies de 1:2, obteve reduções nos progressos genéticos esperados para os caracteres estudados (altura de plantas, DAP e volume de madeira) quando os efeitos da interação não foram levados em conta na seleção. Considerando o valor do progresso genético esperado ser igual a 100%, houve reduções no DAP de 56,3%, na altura de plantas de 49,9% e 54,2% no volume de madeira pelos efeitos da interação. As menores perdas ocorreram para altura de plantas, caráter que apresentou maior valor de herdabilidades. Tendência similar foi encontrada por MORI (1988) em estudos de progênies da mesma espécie em três localidades do Estado de São Paulo. Obteve reduções de 71% em DAP, 49% em altura de plantas e 86% em volume de madeira nos valores de progressos genéticos esperados na seleção.

4. ESTABILIDADE FENOTÍPICA E ANÁLISE DE REGRESSÃO

FREEMAN (1973), fazendo um levantamento sobre o assunto, mostrou que a existência de interações entre genótipos e fatores ambientais tem sido há longo tempo reconhecida, sendo que a referência mais antiga foi feita por Fischer e Mackenzie em 1923. Desde então, muitos trabalhos têm sido feitos para análise estatística de interações genótipos x ambientes.

Jones (1958) citado por SANTOS (1977) comentou que a homeostase constitui-se num fator de evolução e sobrevivência sob condições naturais. Assim, em condições ambientais variáveis, os heterozigotos exibem uma maior estabilidade que os homozigotos, podendo isto ser demonstrado experimentalmente, pela menor variância dos híbridos F1 em relação às progênes menos heterozigotas.

A estabilidade, segundo ALLARD & BRADSHAW (1964) é vista de um modo geral sob dois aspectos: homeostase populacional e individual. O primeiro como sendo formado de diferentes genótipos, sendo cada um deles adaptado a uma faixa diferente de variação ambiental. O segundo é visto como uma conseqüência de uma reação estabilizadora dos indivíduos "per se", de modo que cada membro da população adapta-se a diversos ambientes. Desta maneira, populações de base genética restrita são mais dependentes da homeostase individual para conservar seus caracteres, porém, em populações de ampla base genética, ambos os tipos de homeostase estão presentes.

REHFELDT & LESTER (1969), estudando os mecanismos que levam as espécies florestais a desenvolver estabilidade, sugeriram que os sistemas genéticos de espécies arbóreas diferem entre espécies conforme a posição sucessional que ocupam. As espécies pioneiras sacrificam sua alta e imediata adaptação a condições específicas de ambiente para manter uma flexibilidade ou adaptabilidade a uma variedade de locais. Provavelmente são caracterizadas por grupos gênicos altamente heterogêneos e não segmentados e a homeostase adaptacional é uma propriedade de cada indivíduo. Espécies mais avançadas do ponto de vista sucessional, por outro lado, sacrificam sua ampla adaptabilidade em favor da especialização a condições específicas de ambientes e podem ser caracterizadas por um grupo gênico altamente segmentado com uma tendência a homozigose comum dentro de cada segmento.

Em *Picea abies*, ST. CLAIR & KLEINSCHMIT (1986) testaram 40 clones em sete diferentes sítios na região norte da Alemanha. Aos 10 anos de idade a análise de variância para altura de plantas apresentou resultados altamente significativos para a interação clone x sítio. Esses efeitos podem ser reduzidos pela seleção de clones estáveis.

VAN WYK & FALKENHAGEN (1984) apresentaram resultados de dois experimenta; testando a interação progênes x fertilizante utilizando *Pinus radiata* e *Eucalyptus grandis* e três experimentos de *Pinus patula*, *Pinus kesiya* e *Pinus elliottii* para pesquisar as interações entre progênes x sítios. Os *Pinus patula* e *Pinus kesiya* parecem ser relativamente estáveis em diferentes ambientes em relação à performance em crescimento, mas as magnitudes dos componentes de interação progênes x ambientes foi no mínimo tão grande quanto o componente progênie. O *Pinus elliottii* apresentou interação genótipo x ambiente significativa para produção em volume.

Para espécies arbóreas, SHELBOURNE (1972) comentou que algumas famílias estudadas contribuem fortemente com a variância da interação genótipos x ambientes, enquanto que outras muito pouco. Vários métodos são utilizados para detectar a interação.

4.1. MÉTODO DE YATES & COCHRAN (1938)

Uma das primeiras tentativas para avaliar o comportamento individual de genótipos em várias condições ambientais, foi desenvolvida por YATES & COCHRAN (1938). Consiste em se fazer uma análise conjunta de experimentos, ou seja, analisar os diversos genótipos nos vários ambientes e, posteriormente, fazer-se a decomposição da soma de

quadrados devida aos ambientes adicionada à soma de quadrados devida à interação genótipos x ambientes em efeitos de ambientes dentro de cada genótipo.

A variação de ambientes dentro de cada genótipo é usada como estimativa da estabilidade, de modo que o genótipo que apresentar menor quadrado médio, ou seja, menor variância, será considerado o mais estável (MORA, 1986).

Esse método de avaliação de estabilidade tem sido considerado por vários autores como de baixa precisão e de difícil manuseio quando o número de genótipos que estão sendo testados é relativamente grande. Embora apresente restrições, este método foi a base para muitos autores desenvolverem outros para avaliação de estabilidade de plantas.

MORA (1986) estudando a interação com espaçamentos entre plantas e locais em clones de *Eucalyptus* spp no norte da Bahia utilizou o seguinte esquema de análise de variância conjunta para a determinação da estabilidade dos genótipos pelo método de YATES e COCHRAN (1938):

Fonte de Variação	G.L.	SQ
Blocos/Locais	$J(K - 1)$	
Clones	$I - 1$	
Locais	$J - 1$	
Clones x Locais	$(I - 1)(J - 1)$	
Clones + (Clones x Locais)	$I(J - 1)$	
Ambiente/Clone 1	$(J - 1)$	SQA/C1
Ambiente/Clone 2	$(J - 1)$	SQA/C2
.		
.		
.		
.		
Ambiente/Clone 17	$(J - 1)$	SQA/C17
Erro	$J(I - 1)(K - 1)$	

Para este método o clone estável seria o que apresentasse menor quadrado médio de ambiente dentro de clones. Naturalmente serão desejáveis aqueles mais produtivos.

Segundo o autor, na metodologia de YATES & COCHRAN o efeito de locais é adicionado à interação, não sendo possível manter o efeito da interação. Comentou ainda que essa mistura de quadrado médio pode provocar certa distorção nos resultados.

4.2. MÉTODO DE PLAISTED & PETERSON (1959)

PLAISTED & PETERSON (1959) verificaram que, quando são testados genótipos em vários locais, uma proporção da variância é devida à interação genótipos x ambientes e que dessa variância, cada genótipo contribui com uma determinada fração. Quanto menor for essa contribuição mais estável será o genótipo. O parâmetro de estabilidade é obtido pela média aritmética dos componentes de variância da interação genótipos x ambientes que envolve um genótipo particular. Obtêm-se assim $n-1$ análises entre um total de $r.(n-1)/2$, para cada par de genótipos testados. A metodologia é eficiente em indicar os genótipos mais estáveis por trabalhar com componentes de variância da interação genótipos x ambientes e não com o quadrado médio desse efeito, cuja estimativa envolve também o componente do erro associado à cada genótipo, que pode não ser homogêneo. Sua principal limitação provavelmente seja a obtenção de um grande número de variâncias requeridas.

4.3. MÉTODO DE WRICKE (1962)

WRICKE (1962), através de uma análise de variância, calculou a contribuição individual do genótipo para a interação. Para isso, utilizou-se de uma tabela de dupla entrada entre genótipos e ambientes. Segundo MORA (1986) o cálculo é desenvolvido através da fórmula:

$$W_i = \sum_j \left(\bar{Y}_{ij} - \frac{\bar{Y}_i}{L} - \frac{\bar{Y}_{.j}}{C} - \frac{\bar{Y}_{..}}{CL} \right)^2$$

onde:

W_i = a contribuição do dane i no total da variância da interação;

\bar{Y}_{ij} = a média do dane i no local j;

\bar{Y}_i = o total do dane i em todos os locais;

$\bar{Y}_{.j}$ = o total do dane j considerando todos os clones;

$\bar{Y}_{..}$ = a somatória de todos os clones e locais;

C = o número de clones testados;

L = o número de locais testados.

O somatório de W_i é igual à soma de quadrados da interação. Um clone mostra baixa ecovalência quando contribui pouco para a interação, ou seja, mostra resposta similar à média de todos os clones.

4.4. MÉTODO DE FINLAY & WILKINSON (1963)

FINLAY & WILKINSON (1963), segundo TORRES (1988), desenvolveram uma metodologia para comparar a performance de um grupo de genótipos cultivados em vários locais e anos, baseados nos procedimentos de regressão. O primeiro passo é a transformação das produtividades para uma escala logarítmica e em seguida a realização de uma análise de variância conjunta, segundo o modelo proposto por YATES & COCHRAN (1938), considerando cada local e ano como um ambiente, no qual a soma de quadrados devida à interação genótipos x ambientes é desdobrada em efeitos de regressões e desvios de regressões.

Para cada genótipo é calculada uma regressão linear da produção individual sobre a média de todos os genótipos para cada ambiente (local e ano). O uso desse procedimento de regressão permite descrever as respostas de adaptação dos genótipos individuais para uma série de ambientes nos quais eles foram cultivados e determinar uma população de genótipos por adaptação e performance de produção. A média de produtividade de todos os genótipos para cada ambiente fornece um índice de ambiente, usado na avaliação do ambiente. O uso da transformação logarítmica, segundo os autores, após calculadas as médias, induz a um alto grau de linearidade nas regressões da produtividade individual sobre o índice de ambiente e também a um razoável grau de homogeneidade no erro experimental.

Quando genótipos crescem em muitos ambientes, alguns mostram um desempenho estável parecido com o caso 1 ($b = 0$) da Figura 06, onde b é o coeficiente de regressão b.

Este é o caso em que os genótipos são completamente não responsáveis a mudanças ambientais. Tais genótipos não são desejáveis em programas de melhoramento pois não se beneficiam com os melhoramentos ambientais. Outros genótipos apresentam performances parecidas com o caso 2 ($b = 1$) onde os desempenhos adicionados em melhores ambientes é proporcional a melhoramentos em qualidade ambiental. Deste modo, tais genótipos serão considerados como tendo estabilidade média. Os Casos 3 ($b > 1$) e 4 ($b < 1$) representam genótipos que têm estabilidade para performance abaixo e acima da média, respectivamente. Em relação ao valor médio de $b = 1$, os genótipos que tem $b > 1$ responderão melhor que a média em ambientes melhores mas menos que a média em ambientes pobres. Genótipos com $b < 1$ responderão bem menos em melhores ambientes mas melhor em ambientes pobres. Entretanto, dependendo se está sendo melhorado para ambientes pobres ou bons, pode trocar genótipos com estabilidade como no caso 4 e caso 3, respectivamente. Alguns genótipos apresentam desempenhos não previsíveis em todos os ambientes como mostrado no caso 5. Tais genótipos poderiam ser evitados em alguns programas de melhoramento. Finalmente, genótipos podem ter pior desempenho em ambientes melhores como mostrado no caso 6 ($b < 0$) (OWINO, 1976).

As regressões fenotípicas descritas acima são transformadas em conceitos de adaptabilidade por FINLAY & WILKINSON (1963) como mostrado na Figura 07.

MORA (1986) estudando 17 clones de *Eucalyptus* spp, utilizou para cálculo do coeficiente de regressão linear a fórmula seguinte:

$$b_i = \frac{\sum_j^L Y_{ij} I_j}{\sum_j^L I_j^2}$$

onde:

$i = 1$ a C clones

$j = 1$ a L locais

Y_{ij} – média do clone i no local j ;

I_j = índice ambiental =

$$\frac{\sum_i^C Y_{ij}}{C} - \frac{\sum_i^C \sum_j^L Y_{ij}}{LC}$$

4.5. MÉTODO DE EBERHART & RUSSEL (1966)

BERHART & RUSSEL (1966) estudando parâmetros de estabilidade para comparações de variedades, utilizaram um modelo linear para descrever o comportamento de um genótipo em uma série de ambientes. As estimativas dos parâmetros de estabilidade são definidas pelo seguinte modelo:

$$Y_{ij} = U_i + \beta_i I_i + \delta_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} = é a média da i -ésima variedade no j -ésimo ambiente;

β_i = é o coeficiente de regressão (também utilizado por FINLAY & WILKINSON, 1963);

δ_j = é o desvio de regressão;

I_j – é o índice ambiental (o mesmo descrito por FINLAY e WILKINSON, 1963);

$$\delta_j = S_{di}^2 = [\sum_i \delta_{ij} / (n - 2)] - S_e^2 / r$$

onde:

S_e^2 / r = é a estimativa do erro (ou a variância de uma média de variedade no j-ésimo local);

$$\delta_j = (\hat{Y}_{i,j} - \hat{Y}_{i,j});$$

$$\sum_j \delta_{ij}^2 = [\sum_j Y_{ij}^2 - \frac{Y_i^2}{n}] - (\sum_j Y_{ij} I_j)^2 / \sum_j I_j^2$$

Este modelo fornece a média separada da interação genótipos x ambientes de cada variedade em duas partes:

- a) a variação devida à resposta da variedade para a variações dos índices ambientais (somadas de quadrados das regressões).
- b) Os desvios não explicados da regressão no índice ambiental.

Segundo MORI et alii (1988) uma das estratégias que pode ser utilizada para condução de programas de melhoramento é a utilização de progênies com maior capacidade de adaptação a diferentes localidades. O método de EBERHART & RUSSEL (1966) é muito utilizado para determinar a estabilidade fenotípica a diferentes ambientes. Consiste em estimar os coeficientes de regressão (\hat{b}), as variâncias dos desvios de b e as médias de volume cilíndrico por progênie, os coeficientes de regressão e seus respectivos desvios. Estes valores estão apresentados na Tabela 04 e Figura 08.

4.6. MÉTODO DE VERMA, CHAHAL & MURTY (1978)

VERMA et alii (1978) comentaram que os métodos para determinação de genótipos estáveis de FINLAY & WILKINSON (1963) e EBERHART & RUSSEL (1966), os mais utilizados, não são adequados, pois, segundo estes métodos um genótipo de sensibilidade acima da média tem elevada produtividade em bons ambientes, mas também, indesejável baixa produtividade em ambientes ruins. Eles salientam que um genótipo teoricamente ideal é aquele com rendimentos relativamente elevados e comportamento estável em ambientes desfavoráveis com capacidade para responder a ambientes favoráveis. Assim argumentando, eles propuseram uma técnica alternativa de regressão, que consiste no ajustamento de duas regressões lineares separadamente. Uma para ambientes negativos e outra para ambientes positivos, incluindo também o menor índice de ambiente negativo, em valor absoluto, para a continuidade da linha de regressão.

O genótipo mais estável seria escolhido através da análise conjunta dos coeficientes de regressão para os ambientes positivos e negativos. Ressaltam, ainda, que a resposta não é necessariamente favorecida nos ambientes favoráveis porque os desvios

da linearidade seriam minimizados por estes ambientes e que a aproximação sugerida por eles é um método simples e conveniente para detectar as diferenças entre genótipos.

4.7. MÉTODO DE SILVA & BARRETO (1985)

SILVA & BARRETO (1985) propuseram o ajustamento, para cada genótipo, de uma equação única constituída de dois segmentos de reta, com união no ponto correspondente ao valor zero (O) do índice de ambiente. Os índices ambientais utilizados neste trabalho são obtidos pela diferença da média de todos os genótipos em cada ambiente e a média geral do experimento.

O modelo de regressão linear segmentado destes autores, é definido pela equação: $E(Y) = B_0 + B_1X + B_2T(X)$, onde $T(X) = X|X \geq 0$ e $T(X) = 0|X \leq 0$, onde X é o índice ambiental. Pode-se então estudar comparativamente os genótipos em uma série de ambientes através de considerações relativas ao rendimento médio nos ambientes e à estabilidade em ambientes favoráveis e em ambientes desfavoráveis. A estabilidade relativa do genótipo nesses dois sub-conjuntos de ambientes pode ser determinada através de testes de hipóteses referentes aos parâmetros B1 e B2 do modelo proposto.

Segundo TORRES (1988), alguns autores acham que os procedimentos paramétricos descritos acima dão somente o aspecto individual da estabilidade sem contudo dar uma configuração geral da resposta. Por exemplo, um genótipo pode ser estável de acordo com uma metodologia e instável em outra, o que torna difícil todas estas afirmativas em uma conclusão unificada. A razão para esta dificuldade é que a resposta de genótipo aos ambientes é multivariada via um índice de estabilidade. Para escapar deste dilema, uma linha diferente de pensamento tem emergido, denominado de agrupamento de genótipos de acordo com suas estruturas de respostas. Isto representa a substituição da estabilidade isolada por uma medida quantitativa para localizar os genótipos dentro de um subgrupo qualitativamente homogêneo de estabilidade, isto é, formando-se uma classificação deles. A vantagem desta classificação, que como resultado de um método não paramétrico, é que apesar de os genótipos serem agrupados com base em um grupo específico de dados, o relacionamento relativo entre genótipos pode ser independente de algum grupo específico de dados analisados.

5. ESTRATÉGIAS EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO FLORESTAL

Segundo MATHESON & RAYMOND (1984), a importância da interação progênes x sítios foi avaliada num experimento envolvendo grupos de progênes em 11 sítios por toda a Austrália. A perda do potencial de ganho pela presença das interações foi proposto como um critério apropriado para decisões sobre a importância prática de tais interações em programas de melhoramento. A regionalização como uma possível solução para o problema de interações foi rejeitada por causa da homogeneidade dentro das regiões cujas interações estiveram ausentes e não poderiam ser identificadas. Sugeriu-se que a alternativa mais apropriada seria a identificação de clones cujas progênes contribuem mais para as interações e a eliminação desses clones nos programas de melhoramento. Isto evitaria as despesas extras de regionalização em diversos programas de melhoramento de *Pinus radiata* na Austrália, podendo desta forma conduzir uma única população melhorada.

A interação genótipos x ambientes reduz a herdabilidade e os ganhos, desta forma necessita-se a criação e manutenção de populações de melhoramento separadas e requer-se a integração da pesquisa genética e silvicultural. A decisão para o uso dos efeitos da interação genótipos x ambientes em estratégias de melhoramento torna-se mais complexa

quando dois caracteres são inversamente correlacionados; o melhorista deve decidir entre a busca da homeostase no nível individual ou de população (BARNES et alii, 1984).

A estratégia para a manutenção de multipopulações retém a existência e a identidade de genes complexos (que podem ser combinados mais tarde para regenerar a variabilidade), mantém populações com alta produção para ambientes específicos, protegem contra a endogamia e subsidia a diversidade genética (para seleção a diferentes caracteres e ambientes), assim mantendo a variabilidade e assegurando ganhos futuros e custos menores que os melhoramentos tradicionais (BARNES et alii, 1984).

A estratégia de multipopulações, segundo BURDON & NAMKOONG (1983) e NAMKOONG (1984) permite o desenvolvimento de populações de alta produtividade em ambientes específicos e ao mesmo tempo aumenta o potencial para a manutenção da variabilidade das populações florestais garantindo ganhos a longo prazo. A estratégia permite o controle dos ancestrais, portanto da volta da variabilidade inicial com poucas perdas de produtividade.

A interação genótipos x ambientes pode ocorrer dentro de um ensaio e entre diferentes sítios. No caso da interação entre sítios, os custos ecofisiológicos complexos são necessários para determinar quais fatores de ambiente são responsáveis para a integração e como os genótipos reagem, se devem ser classificados em sítios dentro de sub-regiões de mínima interação genótipos x ambientes e então adotar pesquisas para condução de multipopulações. O método mais barato e mais rápido, se possível, seria eliminar os genótipos que principalmente causam interações, melhorando os genótipos estáveis. Existem sítios onde o melhoramento de árvores não é econômico e outras opções devem ser consideradas, incluindo a silvicultural (FALKENHAGEN, 1985).

MORI et alii (1988) apresentou comparações entre três estratégias de melhoramento em *Eucalyptus urophylla*, diferentes quanto à utilização dos efeitos da interação progênies x localidades: a estratégia de multipopulações que considera os efeitos e conduz vários programas com materiais específicos nos vários locais; um programa conduzindo os materiais estáveis aos locais estudados e um tradicional sem considerar esses efeitos. Os valores de ganhos genéticos médios obtidos para volume são apresentados na tabela 05.

Conclui-se que na escolha de um programa de melhoramento os efeitos da interação genótipo x locais devem ser considerados para maximizar ganhos por geração de melhoramento e a melhor estratégia a ser utilizada para a espécie seria a de multipopulações (MORI et alii, 1988).

6. CONCLUSOES

Em espécies florestais, o fenômeno interação genótipos x ambientes está presente e, conforme a espécie ou material genético utilizado, seus efeitos podem causar baixa eficiência na condução dos programas de melhoramento se não controlados. O cultivo de espécies arbóreas merece grande atenção em razão de serem plantadas em grandes áreas e distribuídas em diferentes condições de solo, clima e tecnologia de cultivo.

A maioria das espécies florestais está em fase inicial de domesticação e muita interação tem ocorrido a nível de espécies, populações (procedências), progênies e clones. As maiores interações aparecem em materiais de etapas mais avançadas de melhoramento, como são os casos de seleção de progênies e clones.

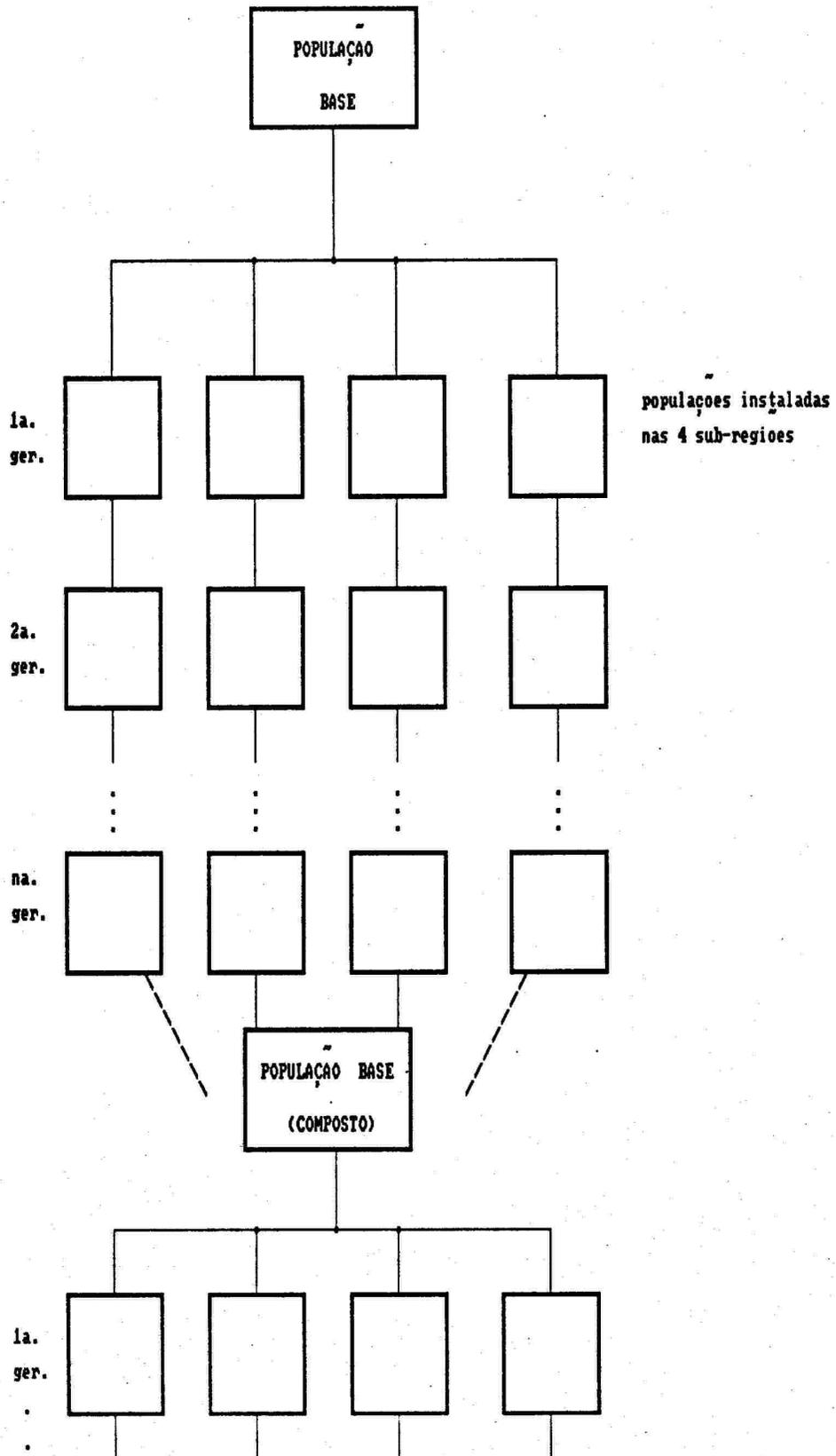
Existem poucos estudos para determinação da estabilidade fenotípica em essências arbóreas. Estes tipos de estudos devem ser incrementados, pois tem sido mostradas reduções nos progressos genéticos esperados pelos efeitos da interação. Selecionar

materiais genéticos adaptados, produtivos e estáveis devem ser objetivos dos melhoristas florestais, mantendo populações base para melhoramento com variabilidade genética e, sempre que possível estratificar programas de melhoramento em regiões ecologicamente distintas.

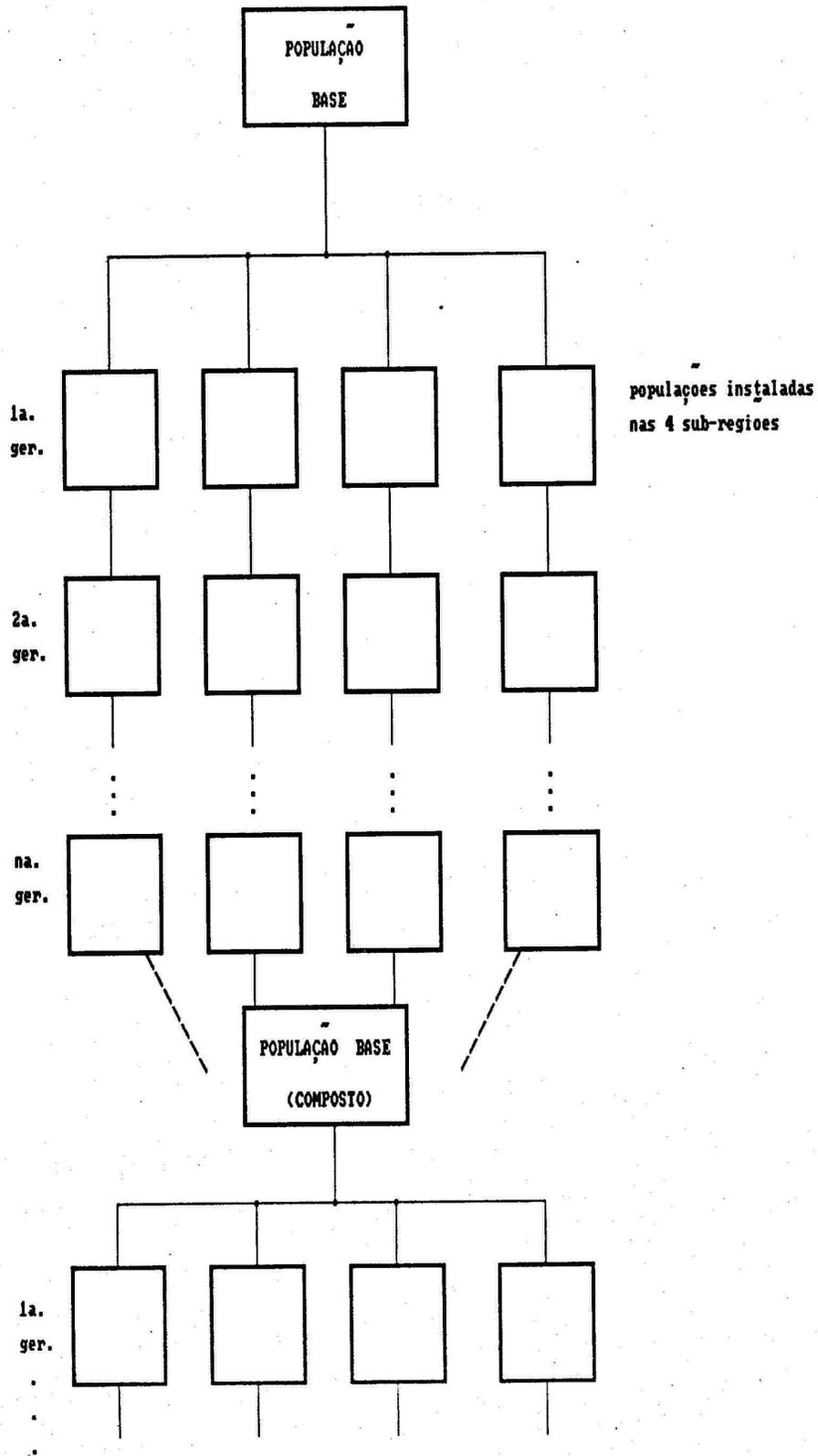
A estratégia de melhoramento florestal que atualmente vem sendo utilizada por algumas entidades é a de condução de multipopulações, que manipula várias subpopulações adaptadas a ambientes ecológicos específicos visando minimizar os efeitos da interação.

Para os programas de melhoramento florestal, sugere-se a utilização de uma estratégia de melhoramento mista, entre a de multipopulações e a estratégia para condução de fenótipos estáveis. Numa primeira etapa, subdividi-se os genótipos adaptados aos diferentes ambientes e a partir destas subpopulações, seleciona-se os indivíduos fenotipicamente estáveis, para a minimização de perdas que podem ocorrer pelos efeitos da interação genótipos x ambientes. A estratégia pode ser visualizada no esquema a seguir.

ESTRATÉGIA DE MELHORAMENTO



ESTRATÉGIA DE MELHORAMENTO



Primeiramente deverá haver uma seleção massal de 200 indivíduos na população base, que seriam testadas em 4 regiões. Cada uma delas seria estratificada em 6 sub-regiões. Os testes de progênies seriam instalados em cada sub-região.

A avaliação dos testes subsidiaria a escolha da 50 melhores progênies mais estáveis que comporiam um único pomar para abastecer a região.

A partir do pomar seria instalada nova população base, haveria seleção massal das 200 melhores progênies, que seriam testadas novamente nas mesmas sub-regiões, sempre selecionando-se para melhor estabilidade. As gerações avançadas seriam conduzidas até que no futuro, para se restaurar a variabilidade inicial seria feita uma mistura das sub-populações (composto) e reiniciar-se-ia novamente o ciclo.

No esquema-exemplo os números de regiões, sub-regiões e até os de progênies seriam arbitrários dependendo do programa e objetivos a serem alcançados pelo melhorista.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R.W. & BRADSHAW, A.D. - Implications of genotype x environment interactions in applied plant breeding. **Crop Sci.** Madison, 4: 503-508, 1964.

BARNES, R.D. et alii - Genotype - environment interactions in tropical pines and their effects on the structure of breeding Populations. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 33 (6): 186-98, 1984.

BARNES, R.D.; GIBSON, G.L. & BARDEY, M.A. - Variation and genotype environment interaction in international Provenance Trials of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* and implications for population improvement strategy. Oxford, Commonwealth Forestry Institute, s.d. 20p.

BILA, A.D. - Interação de espécies e progênies de Eucalipto com três níveis de tecnologia de implantação florestal. Piracicaba, 1988.149p. (Tese-Mestrado-ESALQ/USP).

BURDON, R.D. & NAMKOONG, G. - Short note: multipopulations and sublines. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 32(5/6):221-22, 1983.

BURLEY, J. & KEMP, R.H. - International tropical provenance trials and genotype environment interactions. In: IUFRO GENETICS SABRAO JOINT SYMPOSIA, Tokio, 1972.p.B-2(I):19.

EBERHART, S.A. & RUSSELL, W.A. - Stability parameters for comparing varieties. **Crop Sci.**, Madison, 6: 36-40, 1966.

FALKENHAGEN, E.R. - genotype by Environment Interactions in South African pine progeny trials: implantations for tree breeding. **South African Forestry Journal**, Pretoria, 135: 53-60,1985.

FINLAY, K. W. & WILKINSON, G.N. - The analysis of adaptations in a plant breeding programme. **Australian J. Agr. Res.**, Melbourne, 14: 742-54, 1963.

FONSECA, S.M. da - Estimaco e interpretao dos componentes da variao total em experimentos de melhoramento florestal. In: CURSO SOBRE PRTICAS EXPERIMENTAIS EM SILVICULTURA, Piracicaba, 1979. Piracicaba, IPEF, 1979. p.1-20.

FREEMAN, G.H. - Statistical methods for the analysis of genotype x environment interactions. **Heredity**. London, 31: 339-54, 1973.

JONES, R.M. & MATHER, K. - Interaction of genotype and environment in continuous variation: 2 analysis. **Biometrics**. Washington, 14: 489-98, 1958.

KAGEYAMA, P.Y. - Plantaes de espcies florestais nativas. In: CONVNIO ESALQ/FEALQ/DAEE. **Relatrio**. Piracicaba, ESALQ/DCF, 1986 (no publicado).

KIKUTI, P. - Parmetros genticos em prognies de meios irmos e clones numa populao de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden na regio de Telmaco Borba - PR. Piracicaba, 1988, 119p. (Tese- Mestrado- ESALQ).

MATHESON, A.C. & RAYMOND, C.A. - The impact of genotype x environment interactions on australian *Pinus radiata* breeding Programs. **Australian Forest Research**, Melbourne, 14:11-25, 1984.

MORA, A.L. - Interao com espaamentos e locais em clones de *Eucalyptus* spp no norte do Estado da Bahia. Piracicaba, 1986. 101p. (Tese-Mestrado-ESALQ).

MORAES, M.L.T. de - Variao gentica da densidade bsica da madeira em prognies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relaes com as caractersticas de crescimento. Piracicaba, 1987. 115p. (Tese-Mestrado-ESALQ).

MORI, E.S. et alii - Efeitos da interao gentipo x ambiente em prognie de *Eucalyptus saligna* Smith. **IPEF**, Piracicaba, 33: 19-25, 1986.

MORI, E.S. et alii - Variao gentica e interao prognies x locais em *Eucalyptus urophylla*; **IPEF**, Piracicaba, 39: 53-63, 1988.

MORI, E.S. - Avaliao de estabilidade fenotpica em prognies de *Eucalyptus asligna* em So Paulo. In: Reunio sobre os programas cooperativos na rea de melhoramento gentico florestal do **IPEF**, So Paulo, 1988. (Resumos).

NAMKOONG, G. - Choice and management of experimental designs. In: BARNES, R.D. & GIBSON, G.L. ed. **Provenance and genetic strategies in tropical forest trees**. Mutare, IUFRO, 1984. p.633-6.

OWINO, F. - Genotype x environment interaction and genotypic stability in loblolly pine: 2 - genotypic stability comparisons. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 26(1): 21-6., 1977.

PATINO-VALERA, F. - Variao gentica em prognies de *Eucalyptus saligna* Smith e sua interao com espaamento. Piracicaba, 1986. 211p. (Tese-Mestrado-ESALQ/USP).

PLAISTED, R.L. & PETERSON, L.C. - A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. **Am. Potato J.**, Washington, 36: 385-5, 1959.

QUIJADA, R.M. - Interacción genotipo x ambiente. In: FAO/DANIDA. Mejora genética de arboles forestales. Merida, 1980. p. 231-5.

REHFELDT, G.E. & LESTER, D.T. - Specialization and flexibility in genetic systems of forest trees. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 18(4):118-23, 1969.

SANTOS, M.X. dos - Interação genótipos x localidades em híbridos crípticos de milho S1 x S1, nas regiões sudeste e nordeste brasileiras. Piracicaba, 1977. 84p. (Tese- Mestrado-ESALQ/USP).

SHELBOURNE, C.J.A. - Genotype-environment interactions; Its study and its implications in forest tree improvement. In: IUFRO GENETICS SABRAO JOINT SYMPOSIA, Tokio, 1972. p. b-1/b-28.

SILVA, J.G.C. e BARRETO, J.N. - Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPOSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRICOLA, 1, Piracicaba, 1985. Resumos. Campinas, Fundação Cargill, 1985. p. 49-50.

ST. CLAIR, J.B. & KLAINSCHMIT, J. - Genotype - environment interaction and stability in ten-year height growth of norway spruce clones (*Picea abies* Karst.). **Silvae Genetica**, Frankfurt, 35(5/6):177-86, 1986.

TORRES, R.A.A. - Estudo do controle genético da estabilidade fenotípica de cultivares de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 133p. (Tese-Doutoramento-ESALQ/USP).

VAN WYK, G. & FALKENHAGEN, E.R. - Genotype x environment interaction in South Africa breeding material. In: SYMPOSIUM ON SITE AND PRODUCTIVITY OF FAST GROWING PLANTATIONS, Pretoria, 1984. **Proceedings**. v.1. p.215-31.

VENCOYSKY, R. - Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. Coord. **Melhoramento de milho no Brasil**. Campinas, Fundação Cargill, 1978. p.122-201.

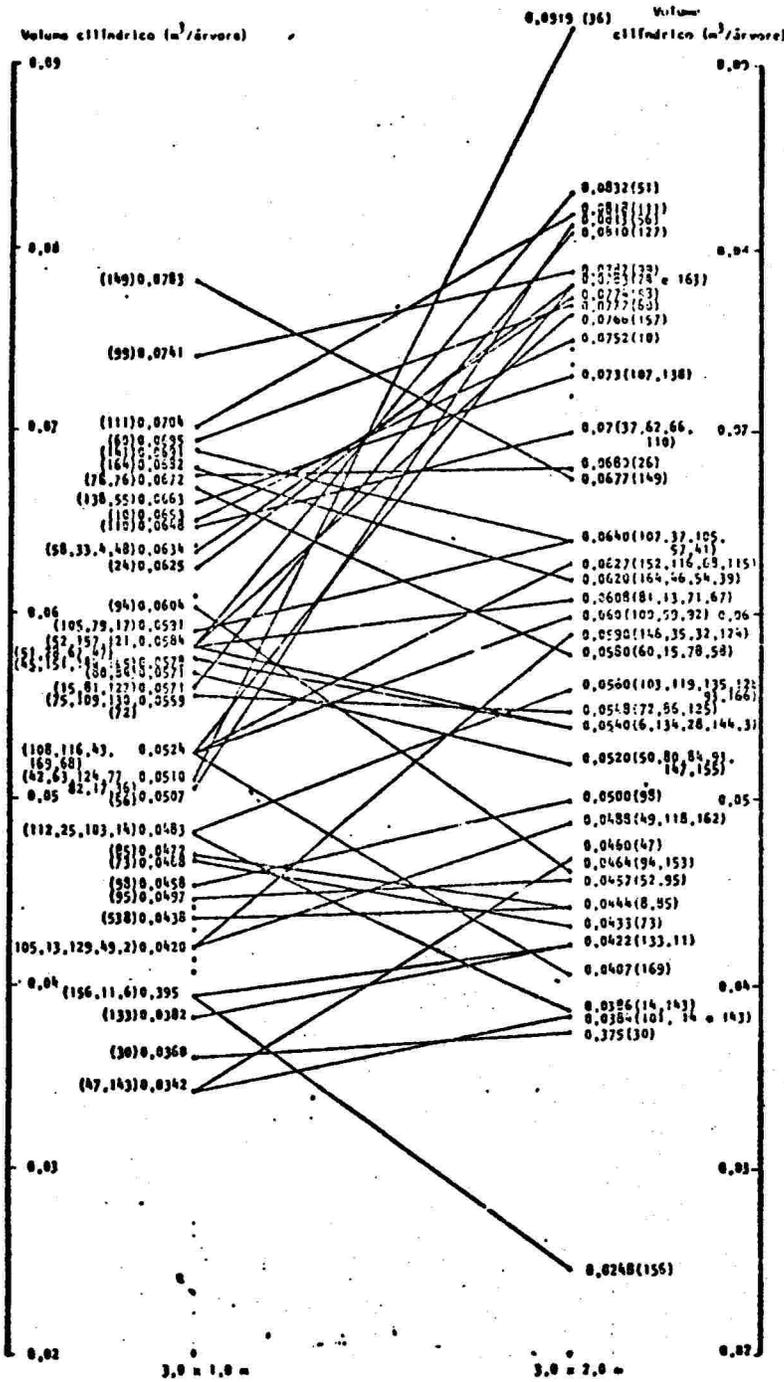
VERMA, M.M. et alii - Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. **Theor Appl. Genet.**, Berlin, 53: 89-91, 1978.

YATES, F. & COCHRAN, W.G. - The analysis of group of experiments. **J. Agric. Sci.**, London, 28: 556-80, 1938.

WRICKE, O. - Uber eine methode zur erfassung der okologischen Streubreite in feldversuchen. **Z. Pflanzenzucht**, 47: 92-6, 1962.

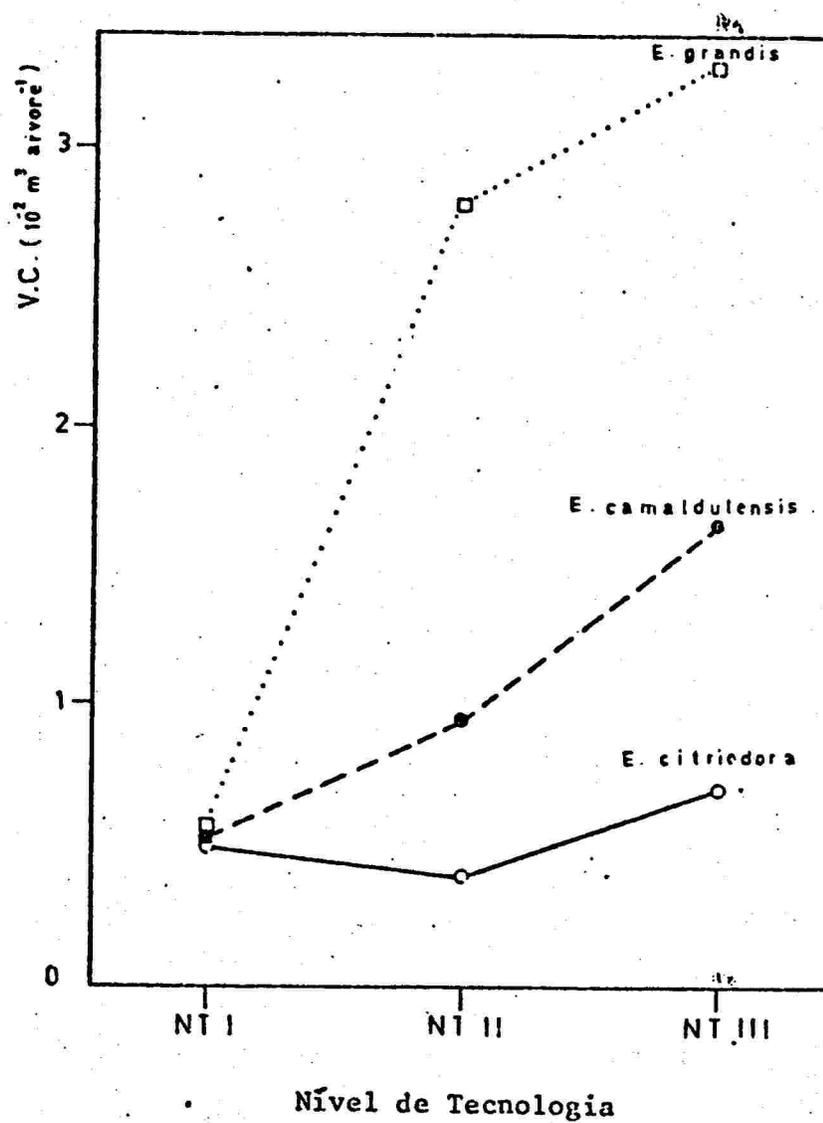
ANEXOS

FIGURA 01 – Comportamento de algumas das progênes de *Eucalyptus saligna* Smith na produção em volume cilíndrico ($m^3/\text{árvore}$), nos dois espaçamentos testados à idade de 32 meses.



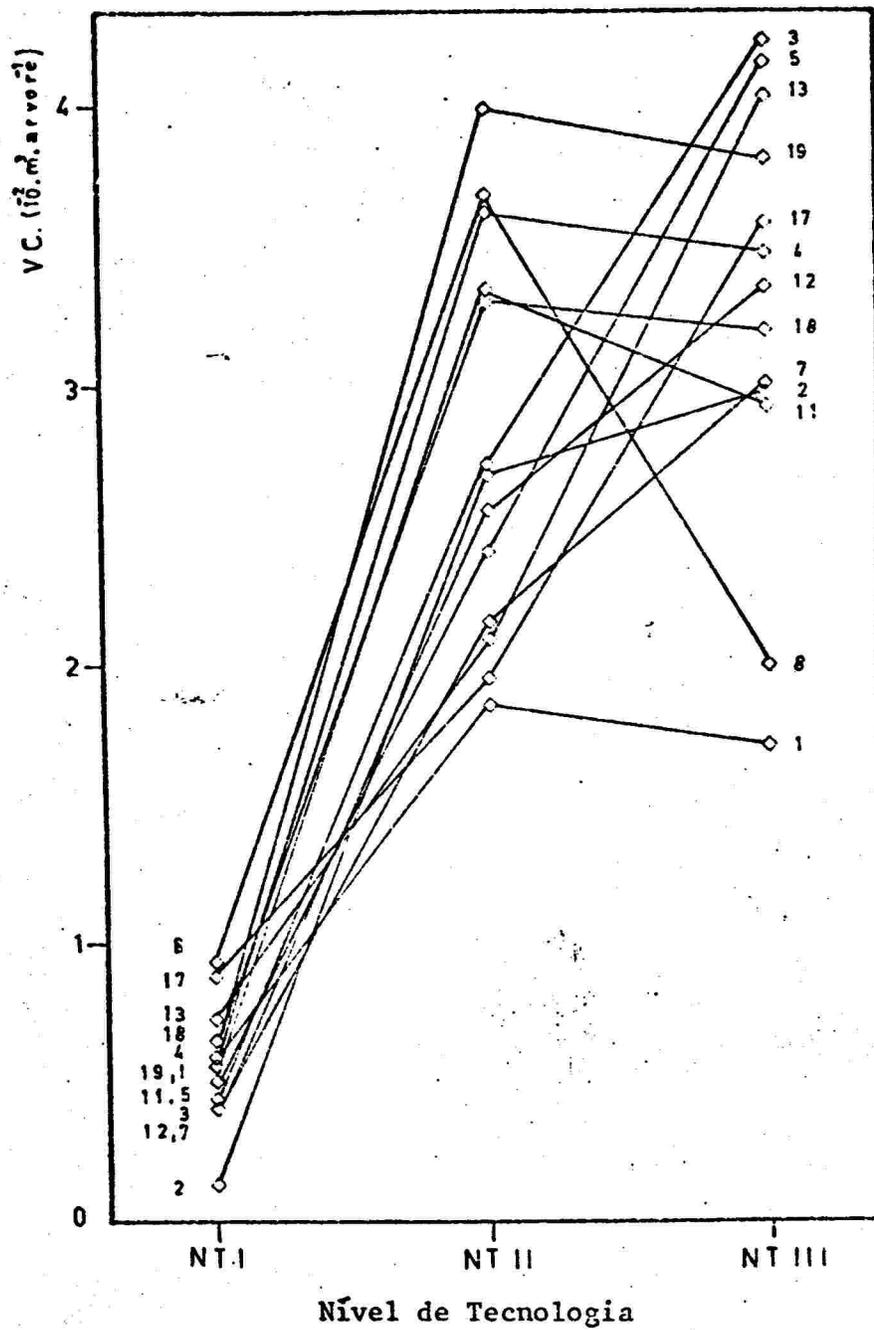
(1) Identificação das progênes; 0,0500 valor do volume cilíndrico individual médio para as progênes localizadas nesse ponto.

FIGURA 02 – Volume cilíndrico (VC) de plantas de *Eucalyptus* em três níveis de tecnologia (NT) de implantação florestal, aos 24 meses de idade.



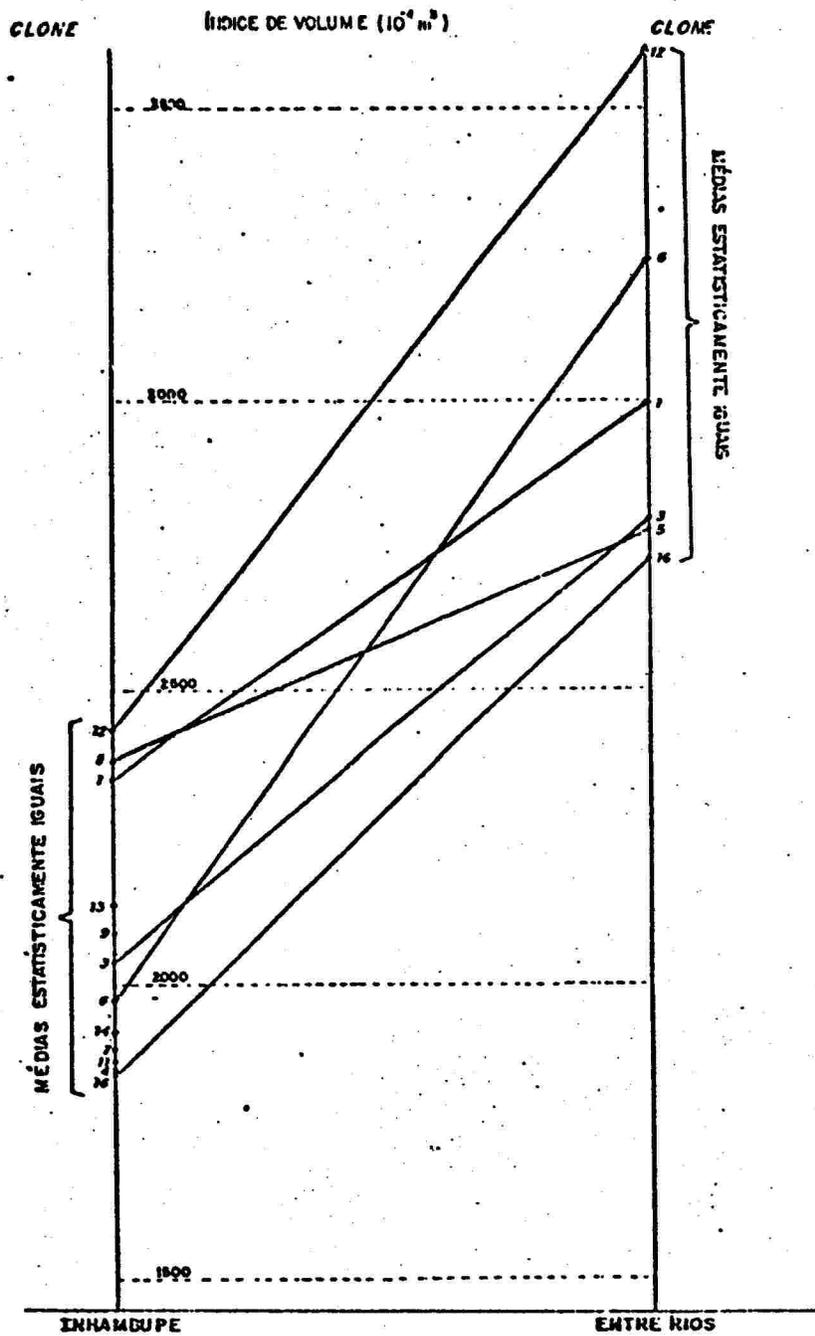
FONTE: BILA (1988)

FIGURA 03 – Crescimento em volume cilíndrico (VC) de progênies de *Eucalyptus grandis* nos três níveis de tecnologia (NT) de implantação florestal aos 24 meses de idade.



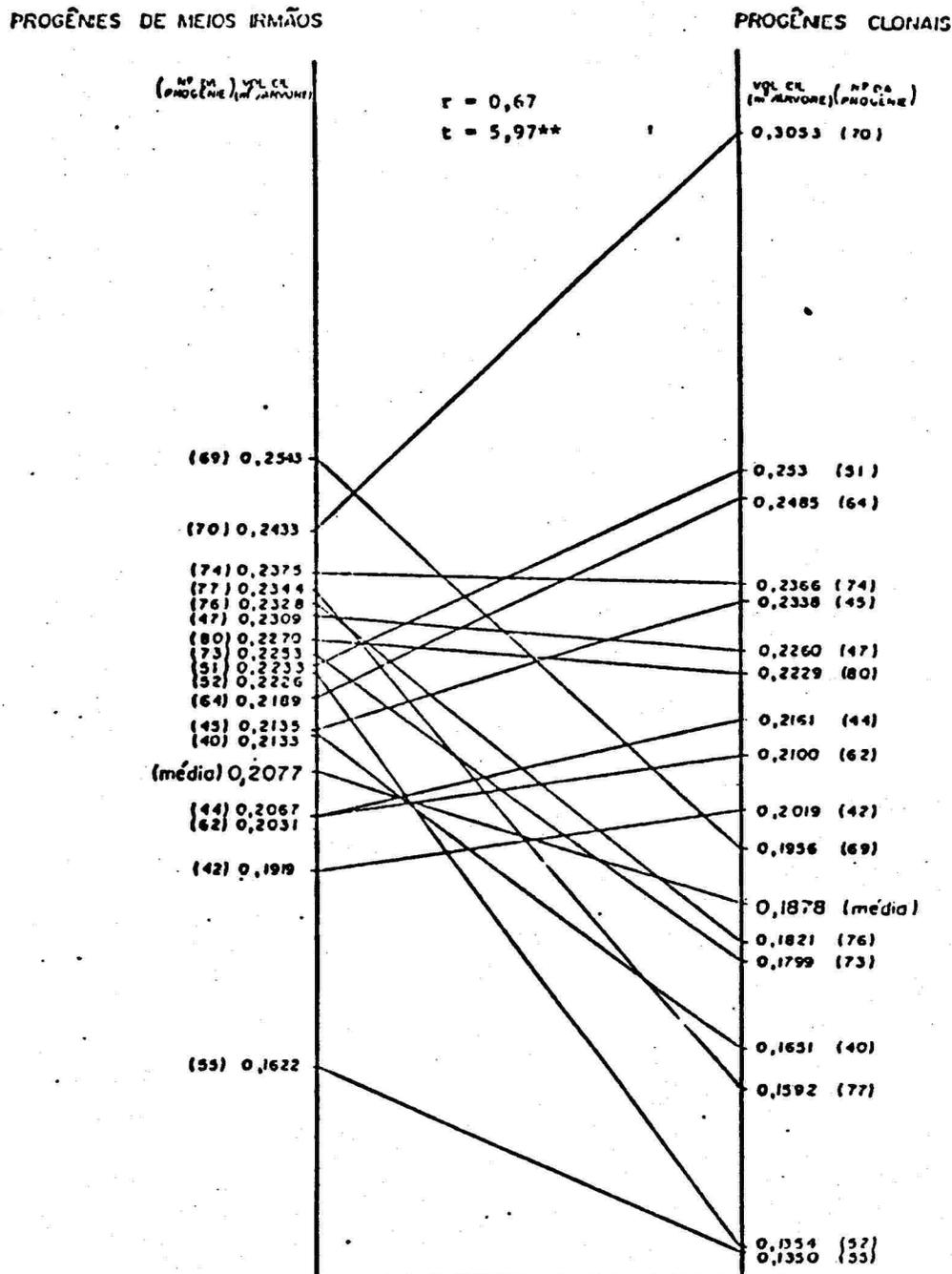
FONTE: BILA (1988)

FIGURA 04 – Comparação de médias iguais estatisticamente em Entre Rios e Inhambupe, no espaçamento 3,0 x 2,0 m, para a característica índice de volume.



FONTE: MORA (1986)

FIGURA 05 – Comportamento de algumas progênes de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden em volume cilíndrico (m³/árvore) nos dois métodos de propagação aos 30 meses de idade. Foram utilizadas progênes que mantiveram posições estáveis e aquelas com diferenças de 10 pontos na sua posição relativa; r = coeficiente de correlação ao nível de médias entre progênes de meios irmãos e progênes clonais, para as 45 árvores selecionadas; t = teste de significância de r.



FONTE: KIKUTI (1988)

TABELA 01 – Herdabilidades médias e conjuntas a nível de plantas.

Caráter	Espécie	Idade	Média	Conjunto
DAP	<i>Eucalyptus saligna</i>	3 anos	0,22	0,18
	<i>Eucalyptus urophylla</i>	7 anos	0,24	0,01
	<i>Eucalyptus grandis</i>	7 anos	0,13	0,04
Altura	<i>Eucalyptus saligna</i>	3 anos	0,23	0,22
	<i>Eucalyptus urophylla</i>	7 anos	0,39	0,19
	<i>Eucalyptus grandis</i>	7 anos	0,28	0,08
Volume	<i>Eucalyptus saligna</i>	3 anos	0,17	0,12
	<i>Eucalyptus urophylla</i>	7 anos	0,25	0,05
	<i>Eucalyptus grandis</i>	7 anos	0,10	0,02
Densidade da Madeira	<i>Eucalyptus grandis</i>	7 anos	0,69	0,56

Adaptado de MORI et alii (1986) e MORAES (1987)

TABELA 02 – Progressos genéticos esperados (%) para diferentes características, localidades e em conjunto.

Característica	Localidades				Média	Conj.	Perdas
	Aracruz ES	Belo Oriente MG	Bom Despacho MG	Grão Mogol MG			
DAP	20,42	4,91	14,84	36,47	16,66	0,92	15,74
Altura	15,58	6,50	31,10	24,37	19,39	11,25	8,14
Vol. Cil.	39,04	15,20	37,68	68,64	40,14	13,41	26,73

1:3 entre progênes

Proporção de seleção 1:10 dentro de progênes

FONTE: MORI et alii (1988).

TABELA 03 – Estimativas de progressos genéticos esperados (%) envolvendo as características altura de plantas, DAP, volume cilíndrico e densidade básica da madeira em três locais aos 7 anos.

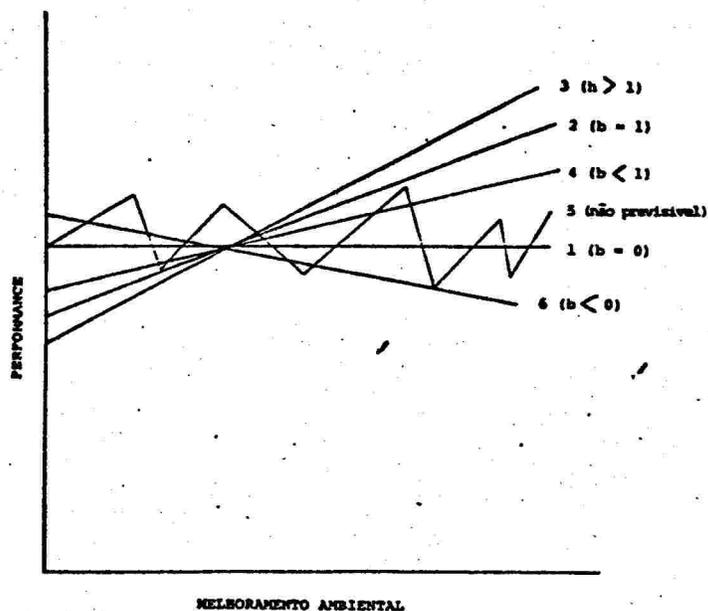
Característica	Localidades			Média	Conj.	Perdas
	Anhembi – SP	Brotas – SP	Lençóis Paulista - SP			
DAP	4,56	7,23	12,04	7,94	3,40	4,54
Altura	3,42	5,30	12,06	6,93	2,78	4,15
Vol. Cil.	4,06	13,68	24,58	14,11	4,72	9,39
Densidade Básica	9,21	9,39	13,24	10,61	9,59	1,02

1:3 entre progênes

Proporção de seleção 1:10 dentro de progênes

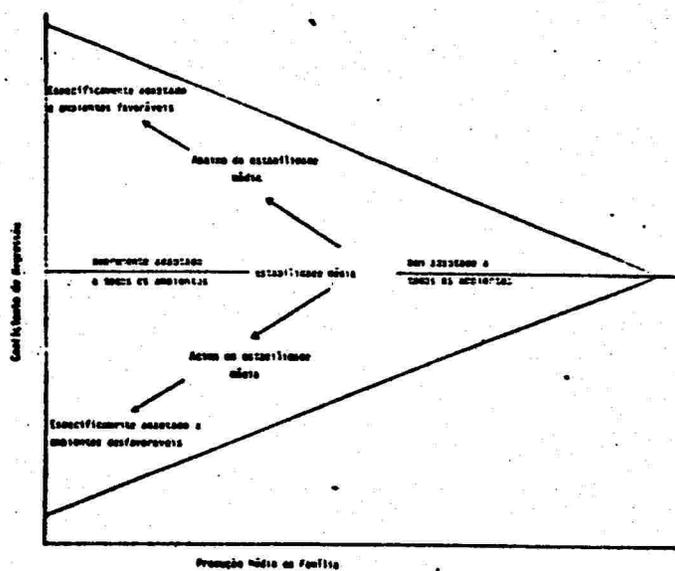
Adaptado de MORAES (1987)

FIGURA 06 – Representação gráfica dos tipos de estabilidade genotípica: explicação em um teste.



FONTE: OWINO (1976)

FIGURA 07 – Coeficiente de regressão de famílias por média de performance da família.



FONTE: FINLAY & WILKINSON (1963)

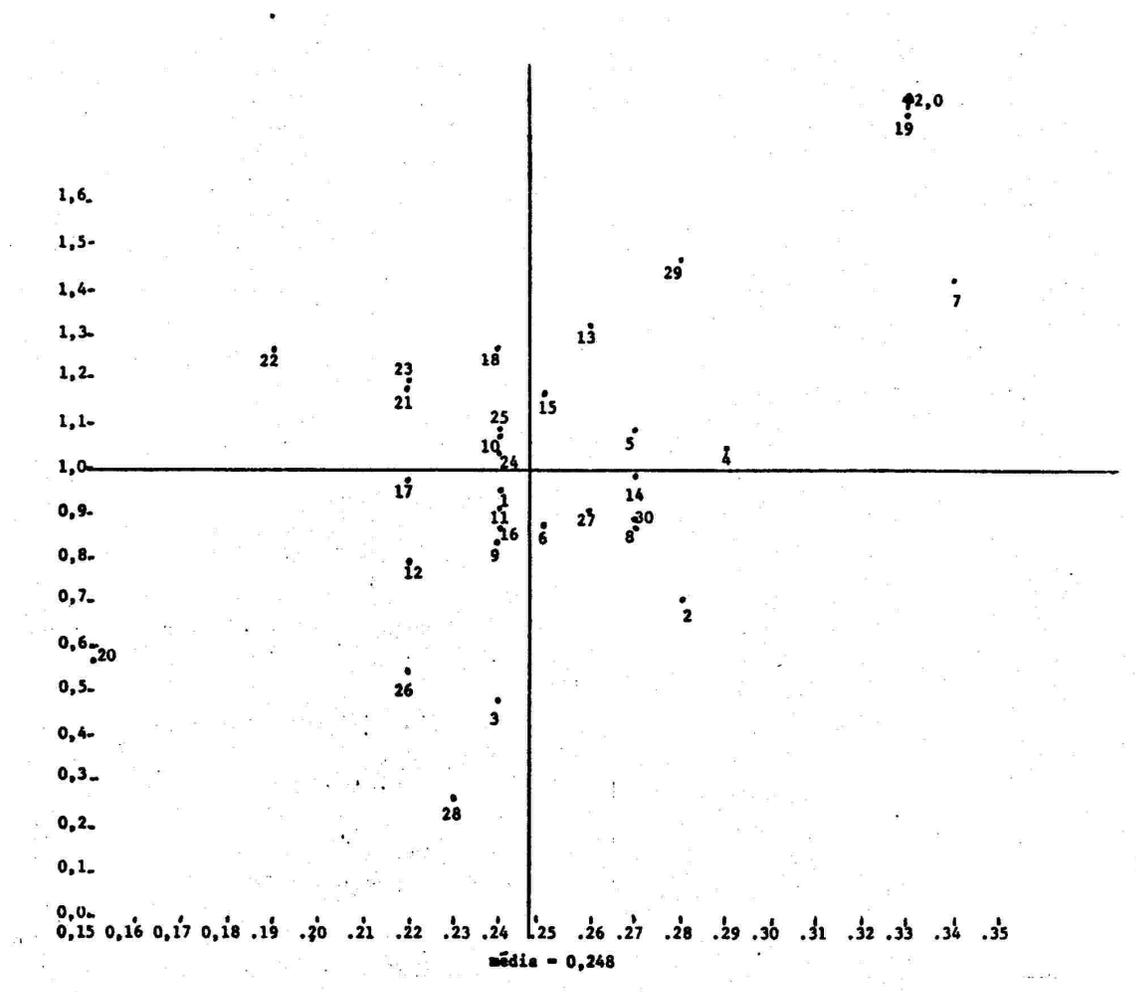
TABELA 04 – Valores médios por progênie para volume cilíndrico (m³) e respectivos coeficientes de regressão (\hat{b}) e variâncias dos desvios de \hat{b} obtidos pela metodologia de EBERHART & RUSSEL (1966).

Progênie	Média	\hat{b}	S2 Desvios (\hat{b})
1	0,24	0,95	-0,001
2	0,28	0,71	-0,012
3	0,24	0,48	-0,001
4	0,29	1,04	-0,001
5	0,27	1,09	-0,002
6	0,25	0,87	-0,001
7	0,34	1,42	0,025
8	0,27	0,87	0,000
9	0,24	0,83	-0,002
10	0,24	1,08	0,001
11	0,24	0,92	0,010
12	0,22	0,79	0,002
13	0,26	1,32	-0,002
14	0,27	0,98	-0,001
15	0,25	1,16	0,000
16	0,24	0,86	-0,001
17	0,22	0,97	-0,001
18	0,24	1,27	-0,001
19	0,33	2,00	-0,002
20	0,15	0,57	-0,002
21	0,22	1,17	0,000
22	0,19	1,26	0,000
23	0,22	1,19	-0,002
24	0,24	1,05	-0,001
25	0,24	1,08	0,001
26	0,22	0,55	-0,001
27	0,26	0,90	-0,001
28	0,23	0,26	0,009
29	0,28	1,47	0,006
30	0,27	0,88	-0,002

FONTE: MORI et alii (1988)

As progênies que apresentaram maior produtividade em volume cilíndrico foram a 7 ($\hat{b} = 1,42$), 19 ($\hat{b} = 2,00$), 4 ($\hat{b} = 1,04$) 2 ($\hat{b} = 0,71$) e ($\hat{b} = 1,47$). A progênie 4, além de possuir alto volume cilíndrico, seu coeficiente de regressão é próximo de 1,00 significando um comportamento mais previsível nos diferentes locais envolvidos no estudo. Este fato é muito desejável, especialmente por ter variância de desvios de \hat{b} próximo a zero indicando confiabilidade na regressão. Em contrapartida, a progênie 19, com alta produtividade em volume cilíndrico e \hat{b} igual a 2,00, é mais específica para ambientes mais produtivos. É a melhor progênie em Aracruz – ES, a terceira em Belo Oriente – MG e uma das piores em grão Mogol – MG e Bom Despacho – MG.

FIGURA 08 – Estabilidade fenotípica para a característica volume cilíndrico através do modelo de EBERHART & RUSSEL (1966).



FONTE: MORI et alii (1988)

TABELA 05 – Ganhos (%) a nível de progênes, conforme a estratégia de melhoramento a conduzir.

Estratégia	Localidades				Média
	Aracruz-ES	Belo Oriente-MG	Bom Despacho-MG	Grão Mogol-MG	
Multipopulações	18,81	10,18	14,18	26,10	17,32
Estáveis	5,09	0,79	10,72	13,25	7,46
Tradicional	1,15	1,93	1,09	1,94	1,53

Proporção de seleção 1:6 entre progênes

FONTE: MORI et alii (1988)